

SEQUENCE LISTING

<110> FOSTER, Timothy

<120> POLYPEPTIDES AND POLYNUCLEOTIDES FROM COAGULASE-NEGATIVE STAPHYLOCOCCI

<130> P06335US03/BAS

<140>

<141> 2003-07-09

<150> 09/386,962

<151> 1999-08-31

<150> 60/098,443

<151> 1998-08-31

<150> 60/117,119

<151> 1999-01-25

<160> 39

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 5406

<212> DNA

<213> Staphylococcus epidermidis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(5406)

<223>

<400> 1

tat	tgg	ata	aat	tat	gct	tat	aaa	gta	ttt	aca	taa	aaa	tgt	aaa	tgc	48
Tyr	Trp	Ile	Asn	Tyr	Ala	Tyr	Lys	Val	Phe	Thr		Lys	Cys	Lys	Cys	
1				5					10						15	

aat	tta	caa	gta	aat	att	caa	att	att	tcc	ttg	taa	aat	att	tat	ttt	96
Asn	Leu	Gln	Val	Asn	Ile	Gln	Ile	Ile	Ser	Leu		Asn	Ile	Tyr	Phe	
			20						25						30	

aac	tgg	agg	tat	agt	atg	aaa	aag	aga	aga	caa	gga	cca	att	aac	aag	144
Asn	Trp	Arg	Tyr	Ser	Met	Lys	Lys	Arg	Arg	Gln	Gly	Pro	Ile	Asn	Lys	
			35						40						45	

aga	gtg	gat	ttt	cta	tcc	aac	aag	gta	aac	aag	tac	tcg	att	agg	aag	192
Arg	Val	Asp	Phe	Leu	Ser	Asn	Lys	Val	Asn	Lys	Tyr	Ser	Ile	Arg	Lys	
			50					55						60		

ttc	aca	gta	ggt	aca	gct	tca	ata	ctc	gtg	ggt	gct	acg	tta	atg	ttt	240
Phe	Thr	Val	Gly	Thr	Ala	Ser	Ile	Leu	Val	Gly	Ala	Thr	Leu	Met	Phe	
		65				70						75				

ggt	gcc	gca	gac	aat	gag	gct	aaa	gcg	gct	gaa	gac	aat	caa	tta	gaa	288
Gly	Ala	Ala	Asp	Asn	Glu	Ala	Lys	Ala	Ala	Glu	Asp	Asn	Gln	Leu	Glu	
	80					85				90						

tca gct tca aaa gaa gaa cag aaa ggt agt cgt gat aat gaa aac tca Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp Asn Glu Asn Ser 95 100 105 110	336
aaa ctt aat caa gtc gat tta gac aac gga tca cat agt tct gag aaa Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His Ser Ser Glu Lys 115 120 125	384
aca aca aat gta aac aat gca act gaa gta aaa aaa gtt gaa gca cca Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys Val Glu Ala Pro 130 135 140	432
acg aca agt gac gta tct aag cct aaa gct aat gaa gca gta gtg acg Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu Ala Val Val Thr 145 150 155	480
aat gag tca act aaa cca aaa aca aca gaa gca cca act gtt aat gag Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro Thr Val Asn Glu 160 165 170	528
gaa tca ata gct gaa aca ccc aaa acc tca act aca caa caa gat tcg Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr Gln Gln Asp Ser 175 180 185 190	576
act gag aag aat aat cca tct tta aaa gat aat tta aat tca tcc tca Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu Asn Ser Ser Ser 195 200 205	624
acg aca tct aaa gaa agt aaa aca gac gaa cat tct act aag caa gct Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser Thr Lys Gln Ala 210 215 220	672
caa atg tct act aat aaa tca aat tta gac aca aat gac tct cca act Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn Asp Ser Pro Thr 225 230 235	720
caa agt gag aaa act tca tca caa gca aat aac gac agt aca gat aat Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp Ser Thr Asp Asn 240 245 250	768
cag tca gca cct tct aaa caa tta gat tca aaa cca tca gaa caa aaa Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro Ser Glu Gln Lys 255 260 265 270	816
gta tat aaa aca aaa ttt aat gat gaa cct act caa gat gtt gaa cac Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln Asp Val Glu His 275 280 285	864
acg aca act aaa tta aaa aca cct tct gtt tca aca gat agt tca gtc Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr Asp Ser Ser Val 290 295 300	912
aat gat aag caa gat tac aca cga agt gct gta gct agt tta ggt gtt Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala Ser Leu Gly Val 305 310 315	960
gat tct aat gaa aca gaa gca att aca aat gca gtt aga gac aat tta Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val Arg Asp Asn Leu 320 325 330	1008
gat tta aaa gct gca tct aga gaa caa atc aat gaa gca atc att gct Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu Ala Ile Ile Ala 1056	

335	340	345	350	
gaa gca cta aaa aaa gac ttt tct aac cct gat tat ggt gtc gat acg Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr Gly Val Asp Thr 355 360 365				1104
cca tta gct cta aac aga tct caa tca aaa aat tca cca cat aag agt Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser Pro His Lys Ser 370 375 380				1152
gca agt cca cgc atg aat tta atg agt tta gct gct gag cct aat agt Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala Glu Pro Asn Ser 385 390 395				1200
ggt aaa aat gtg aat gat aaa gtt aaa atc aca aac cct acg ctt tca Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn Pro Thr Leu Ser 400 405 410				1248
ctt aat aag agt aat aat cac gct aat aac gta ata tgg cca aca agt Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile Trp Pro Thr Ser 415 420 425 430				1296
aac gaa caa ttt aat tta aaa gca aat tat gaa tta gat gac agc ata Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu Asp Asp Ser Ile 435 440 445				1344
aaa gag gga gat act ttt act att aag tat ggt cag tat att aga ccg Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln Tyr Ile Arg Pro 450 455 460				1392
ggt ggt tta gaa ctt cct gca ata aaa act caa cta cgt agt aag gat Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu Arg Ser Lys Asp 465 470 475				1440
ggc tct att gta gct aat ggt gta tat gat aaa act aca aat acg acg Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr Thr Asn Thr Thr 480 485 490				1488
act tat aca ttt act aac tat gtt gat caa tat caa aat att aca ggt Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln Asn Ile Thr Gly 495 500 505 510				1536
agt ttt gat tta att gcg acg cct aag agg gaa aca gca att aag gat Ser Phe Asp Leu Ile Ala Thr Pro Lys Arg Glu Thr Ala Ile Lys Asp 515 520 525				1584
aat cag aat tat cct atg gaa gtg acg att gct aac gaa gta gtc aaa Asn Gln Asn Tyr Pro Met Glu Val Thr Ile Ala Asn Glu Val Val Lys 530 535 540				1632
aaa gac ttc att gtg gat tat ggt aat aaa aag gac aat aca act aca Lys Asp Phe Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Asp Asn Thr Thr Thr 545 550 555				1680
gca gcg gta gca aat gtg gat aat gta aat aat aaa cat aac gaa gtt Ala Ala Val Ala Asn Val Asp Asn Val Asn Asn Lys His Asn Glu Val 560 565 570				1728
gtt tat cta aac caa aat aac caa aac cct aaa tat gct aaa tat ttc Val Tyr Leu Asn Gln Asn Asn Gln Asn Pro Lys Tyr Ala Lys Tyr Phe 575 580 585 590				1776

tca aca gta aaa aat ggt gaa ttt ata cca ggt gaa gtg aaa gtt tac	1824
Ser Thr Val Lys Asn Gly Glu Phe Ile Pro Gly Glu Val Lys Val Tyr	
595 600 605	
gaa gtg acg gat acc aat gcg atg gta gat agc ttc aat cct gat tta	1872
Glu Val Thr Asp Thr Asn Ala Met Val Asp Ser Phe Asn Pro Asp Leu	
610 615 620	
aat agt tct aat gta aaa gat gtg aca agt caa ttt gca cct aaa gta	1920
Asn Ser Ser Asn Val Lys Asp Val Thr Ser Gln Phe Ala Pro Lys Val	
625 630 635	
agt gca gat ggt act aga gtt gat atc aat ttt gct aga agt atg gca	1968
Ser Ala Asp Gly Thr Arg Val Asp Ile Asn Phe Ala Arg Ser Met Ala	
640 645 650	
aat ggt aaa aag tat att gta act caa gca gtg aga cca acg gga act	2016
Asn Gly Lys Lys Tyr Ile Val Thr Gln Ala Val Arg Pro Thr Gly Thr	
655 660 665 670	
gga aat gtt tat acc gaa tat tgg tta aca aga gat ggt act acc aat	2064
Gly Asn Val Tyr Thr Glu Tyr Trp Leu Thr Arg Asp Gly Thr Thr Asn	
675 680 685	
aca aat gat ttt tac cgt gga acg aag tct aca acg gtg act tat ctc	2112
Thr Asn Asp Phe Tyr Arg Gly Thr Lys Ser Thr Thr Val Thr Tyr Leu	
690 695 700	
aat ggt tct tca aca gca cag ggg gat aat cct aca tat agt cta ggt	2160
Asn Gly Ser Ser Thr Ala Gln Gly Asp Asn Pro Thr Tyr Ser Leu Gly	
705 710 715	
gac tat gta tgg tta gat aaa aat aaa aac ggt gtt caa gat gat gat	2208
Asp Tyr Val Trp Leu Asp Lys Asn Lys Asn Gly Val Gln Asp Asp Asp	
720 725 730	
gag aaa ggt tta gca ggt gtt tat gtt act ctt aaa gac agt aac aat	2256
Glu Lys Gly Leu Ala Gly Val Tyr Val Thr Leu Lys Asp Ser Asn Asn	
735 740 745 750	
aga gaa tta caa cgt gta act act gat caa tct gga cat tat caa ttt	2304
Arg Glu Leu Gln Arg Val Thr Thr Asp Gln Ser Gly His Tyr Gln Phe	
755 760 765	
gat aat tta caa aat gga acg tac aca gtc gag ttt gcg att cct gat	2352
Asp Asn Leu Gln Asn Gly Thr Tyr Thr Val Glu Phe Ala Ile Pro Asp	
770 775 780	
aat tat acg cca tct ccc gca aat aat tct aca aat gat gca ata gat	2400
Asn Tyr Thr Pro Ser Pro Ala Asn Asn Ser Thr Asn Asp Ala Ile Asp	
785 790 795	
tca gat ggt gaa cgt gat ggt aca cgt aaa gta gtt gtt gcc aaa gga	2448
Ser Asp Gly Glu Arg Asp Gly Thr Arg Lys Val Val Val Ala Lys Gly	
800 805 810	
aca att aat aat gct gat aat atg act gta gat act ggc ttt tat tta	2496
Thr Ile Asn Asn Ala Asp Asn Met Thr Val Asp Thr Gly Phe Tyr Leu	
815 820 825 830	
act cct aaa tac aat gtc gga gat tat gta tgg gaa gat aca aat aaa	2544
Thr Pro Lys Tyr Asn Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr Asn Lys	

835										840					845					
gat	ggt	atc	caa	gat	gac	aat	gaa	aaa	gga	att	tct	ggt	ggt	aaa	gta	2592				
Asp	Gly	Ile	Gln	Asp	Asp	Asn	Glu	Lys	Gly	Ile	Ser	Gly	Val	Lys	Val					
			850						855				860							
acg	tta	aaa	aat	aaa	aat	gga	gat	act	att	ggc	aca	acg	aca	aca	gat	2640				
Thr	Leu	Lys	Asn	Lys	Asn	Gly	Asp	Thr	Ile	Gly	Thr	Thr	Thr	Thr	Asp					
		865					870					875								
tca	aat	ggt	aaa	tat	gaa	ttc	aca	ggt	tta	gag	aac	ggg	gat	tac	aca	2688				
Ser	Asn	Gly	Lys	Tyr	Glu	Phe	Thr	Gly	Leu	Glu	Asn	Gly	Asp	Tyr	Thr					
		880				885					890									
ata	gaa	ttt	gag	acg	ccg	gaa	ggc	tac	aca	ccg	act	aaa	caa	aac	tcg	2736				
Ile	Glu	Phe	Glu	Thr	Pro	Glu	Gly	Tyr	Thr	Pro	Thr	Lys	Gln	Asn	Ser					
895					900					905					910					
gga	agt	gac	gaa	ggt	aaa	gat	tca	aac	ggt	acg	aaa	aca	aca	gtc	aca	2784				
Gly	Ser	Asp	Glu	Gly	Lys	Asp	Ser	Asn	Gly	Thr	Lys	Thr	Thr	Val	Thr					
				915					920					925						
gtc	aaa	gat	gca	gat	aat	aaa	aca	ata	gac	tca	ggt	ttc	tac	aag	cca	2832				
Val	Lys	Asp	Ala	Asp	Asn	Lys	Thr	Ile	Asp	Ser	Gly	Phe	Tyr	Lys	Pro					
			930					935					940							
aca	tat	aac	tta	ggt	gac	tat	gta	tgg	gaa	gat	aca	aat	aaa	gat	ggt	2880				
Thr	Tyr	Asn	Leu	Gly	Asp	Tyr	Val	Trp	Glu	Asp	Thr	Asn	Lys	Asp	Gly					
		945					950					955								
att	caa	gac	gac	agt	gaa	aaa	ggg	att	tct	ggg	ggt	aaa	gtg	acg	tta	2928				
Ile	Gln	Asp	Asp	Ser	Glu	Lys	Gly	Ile	Ser	Gly	Val	Lys	Val	Thr	Leu					
	960					965					970									
aaa	gat	aaa	aat	gga	aat	gcc	att	ggg	aca	acg	aca	aca	gac	gca	agt	2976				
Lys	Asp	Lys	Asn	Gly	Asn	Ala	Ile	Gly	Thr	Thr	Thr	Thr	Asp	Ala	Ser					
975					980					985					990					
ggt	cat	tat	caa	ttt	aaa	gga	tta	gaa	aat	gga	agc	tac	aca	ggt	gag	3024				
Gly	His	Tyr	Gln	Phe	Lys	Gly	Leu	Glu	Asn	Gly	Ser	Tyr	Thr	Val	Glu					
			995						1000					1005						
ttt	gag	aca	cca	tca	ggt	tat	aca	ccg	aca	aaa	gcg	aat	tca	ggt		3069				
Phe	Glu	Thr	Pro	Ser	Gly	Tyr	Thr	Pro	Thr	Lys	Ala	Asn	Ser	Gly						
			1010					1015					1020							
caa	gat	ata	act	gta	gat	tcc	aac	ggt	ata	aca	aca	aca	ggt	atc		3114				
Gln	Asp	Ile	Thr	Val	Asp	Ser	Asn	Gly	Ile	Thr	Thr	Thr	Gly	Ile						
			1025					1030					1035							
att	aac	gga	gct	gat	aat	ctc	aca	att	gat	agt	ggt	ttc	tac	aaa		3159				
Ile	Asn	Gly	Ala	Asp	Asn	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	Gly	Phe	Tyr	Lys						
			1040					1045					1050							
aca	cca	aaa	tat	agt	gtc	gga	gat	tat	gta	tgg	gaa	gat	aca	aat		3204				
Thr	Pro	Lys	Tyr	Ser	Val	Gly	Asp	Tyr	Val	Trp	Glu	Asp	Thr	Asn						
			1055					1060					1065							
aaa	gat	ggt	atc	caa	gat	gac	aat	gaa	aag	gga	att	tct	ggt	ggt		3249				
Lys	Asp	Gly	Ile	Gln	Asp	Asp	Asn	Glu	Lys	Gly	Ile	Ser	Gly	Val						
			1070					1075					1080							

aaa gta acg tta aag gat gaa aaa gga aat ata att agc act aca	3294
Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Lys Gly Asn Ile Ile Ser Thr Thr	
1085 1090 1095	
aca act gat gaa aat ggg aag tat caa ttt gat aat tta gat agt	3339
Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Cln Phe Asp Asn Leu Asp Ser	
1100 1105 1110	
ggt aat tac att att cat ttt gag aaa ccg gaa ggc atg act caa	3384
Gly Asn Tyr Ile Ile His Phe Glu Lys Pro Glu Gly Met Thr Gln	
1115 1120 1125	
act aca gca aat tct gga aat gat gat gaa aaa gat gct gat ggg	3429
Thr Thr Ala Asn Ser Gly Asn Asp Asp Glu Lys Asp Ala Asp Gly	
1130 1135 1140	
gaa gat gtt cgt gtt acg att act gat cat gat gac ttt agt ata	3474
Glu Asp Val Arg Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile	
1145 1150 1155	
gat aat ggt tat ttt gac gat gat tca gac agt gac tca gac gca	3519
Asp Asn Gly Tyr Phe Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala	
1160 1165 1170	
gat agt gat tca gac tca gac agt gac tcg gac gca gac agc gat	3564
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp	
1175 1180 1185	
tct gac gca gac agt gac tca gac gca gat agt gat tct gac tca	3609
Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1190 1195 1200	
gac agc gac tca gac gca gat agt gat tcc gat tca gac agc gac	3654
Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1205 1210 1215	
tcg gat tca gat agt gat tcg gat gca gac agc gac tcg gat tct	3699
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1220 1225 1230	
gac agt gat tct gac gca gac agt gac tca gat tca gac agt gac	3744
Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1235 1240 1245	
tcg gat tca gac agc gat tcg gat tcc gat tca gac agt gac tcg	3789
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1250 1255 1260	
gat tca gac agt gac tca gac tcc gac agt gat tcc gat tca gat	3834
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1265 1270 1275	
agc gac tcc gac gca gat agt gat tcg gac gca gac agt gac tca	3879
Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser	
1280 1285 1290	
gat tca gac agt gat tcg gac gca gac agt gac tcg gac tca gat	3924
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1295 1300 1305	
agt gat tca gat gca gac agc gat tca gac tca gat agc gac tcg	3969
Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	

1310	1315	1320	
gat tca gac agc gac tcc gac gca gac agc gac tcg gat tca gat Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1325	1330	1335 4014
agt gat tct gac tca gac agt gac tca gat tcc gat agt gat tcg Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1340	1345	1350 4059
gat tca gat agt gat tcc gac gca gac agc gat tcg gat tcc gat Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1355	1360	1365 4104
agc gat tca gac tca gac agc gat tca gat tca gac agc gac tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1370	1375	1380 4149
gat tca gat agt gat tcc gac gca gac agc gat gca gac agc gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp	1385	1390	1395 4194
tca gac gca gac agt gat tca gat gca gac agc gat tct gac tca Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1400	1405	1410 4239
gat agt gac tca gac gca gat agt gat tcc gat tcc gat agc gat Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1415	1420	1425 4284
tca gat tct gat agt gac tca gac tca gac agt gac tca gat tcc Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1430	1435	1440 4329
gat agc gac tcg gat tca gat agt gat tcc gac gca gac agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp	1445	1450	1455 4374
tca gac tca gat agt gac tcg gat tcc gat agt gat tcc gac gca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala	1460	1465	1470 4419
gac agc gat tct gac tca gat agt gac tca gac gca gat agt gat Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp	1475	1480	1485 4464
tcc gat tcc gat agc gat tcg gat gca gac agc gac tcg gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1490	1495	1500 4509
gat agt gat tcc gac gca gac agt gac tca gac tca gat agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1505	1510	1515 4554
tcg gat tcc gat agt gat tcc gac gca gac agc gat tcg gat tcc Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser	1520	1525	1530 4599
gat agc gat tca gac tcc gac agc gat tca gat tca gac agc gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	1535	1540	1545 4644

tca gat tcc gat agt gat tcc gat tca gac agt gac tcg gat tcc Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	4689
1550 1555 1560	
gat agt gac tca gac tca gac agt gac tca gat tca gat agc gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	4734
1565 1570 1575	
tca gat tca gac agt gat tcg gac tca gat agt gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	4779
1580 1585 1590	
gac agt gat tcg gat tcc gat agc gat tcg gat tcc gat agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	4824
1595 1600 1605	
tcg gat tca gac agt gat tcg gac tca gac agc gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	4869
1610 1615 1620	
gat agt gat tcc gac tca gac agc gat tcg gat tcc gat agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	4914
1625 1630 1635	
tcg gat tca gac agt gat tcg gac tca gac agc gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	4959
1640 1645 1650	
gat agt gat tcc gac gca gac agc gac tcc gat tca gat agt gat Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	5004
1655 1660 1665	
tcg gac gca gac agc gat tcc gat agt gac tcg gat tca gac agt Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	5049
1670 1675 1680	
gat tcg gac tca gac agc gat tcc gat tca gac agt gac tcg gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp	5094
1685 1690 1695	
tca gat agc gac tcg gat tca gac agt gac tcg gac tca gat agt Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser	5139
1700 1705 1710	
gac tcc gat tca gac agc gac tcg gat tct gat aaa aat gca aaa Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn Ala Lys	5184
1715 1720 1725	
gat aaa tta cct gat aca gga gca aat gaa gat cat gat tct aaa Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser Lys	5229
1730 1735 1740	
ggc aca tta ctt gga act tta ttt gca ggt tta gga gca tta tta Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu	5274
1745 1750 1755	
tta gga aga cgt cgt aaa aaa gat aat aaa gaa aaa tag cac tat Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys His Tyr	5319
1760 1765 1770	
tga ttc att cat aag tta ttt caa gcc agg tct ata tgg cct ggt Phe Ile His Lys Leu Phe Gln Ala Arg Ser Ile Trp Pro Gly	5364


```

      1775                      1780
ttg  aaa tca tat taa att gaa  agg aga aaa aga tga gta  tgg      5406
Leu  Lys Ser Tyr      Ile Glu  Arg Arg Lys Arg      Val  Trp
1785                      1790                      1795

<210>  2
<211> 11
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400>  2

Tyr Trp Ile Asn Tyr Ala Tyr Lys Val Phe Thr
1          5                      10

<210>  3
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400>  3

Lys Cys Lys Cys Asn Leu Gln Val Asn Ile Gln Ile Ile Ser Leu
1          5                      10                      15

<210>  4
<211> 1742
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400>  4

Asn Ile Tyr Phe Asn Trp Arg Tyr Ser Met Lys Lys Arg Arg Gln Gly
1          5                      10                      15

Pro Ile Asn Lys Arg Val Asp Phe Leu Ser Asn Lys Val Asn Lys Tyr
      20          25          30

Ser Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile Leu Val Gly Ala
      35          40          45

Thr Leu Met Phe Gly Ala Ala Asp Asn Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asp
      50          55          60

Asn Gln Leu Glu Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp
65          70          75          80

Asn Glu Asn Ser Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His
      85          90          95

Ser Ser Glu Lys Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys
      100          105          110

Val Glu Ala Pro Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu
      115          120          125

Ala Val Val Thr Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro
      130          135          140

```

Thr Val Asn Glu Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr
 145 150 155 160
 Gln Gln Asp Ser Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu
 165 170 175
 Asn Ser Ser Ser Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser
 180 185 190
 Thr Lys Gln Ala Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn
 195 200 205
 Asp Ser Pro Thr Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp
 210 215 220
 Ser Thr Asp Asn Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro
 225 230 235 240
 Ser Glu Gln Lys Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln
 245 250 255
 Asp Val Glu His Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr
 260 265 270
 Asp Ser Ser Val Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala
 275 280 285
 Ser Leu Gly Val Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val
 290 295 300
 Arg Asp Asn Leu Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu
 305 310 315 320
 Ala Ile Ile Ala Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr
 325 330 335
 Gly Val Asp Thr Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser
 340 345 350
 Pro His Lys Ser Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala
 355 360 365
 Glu Pro Asn Ser Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn
 370 375 380
 Pro Thr Leu Ser Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile
 385 390 395 400
 Trp Pro Thr Ser Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu
 405 410 415
 Asp Asp Ser Ile Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln
 420 425 430
 Tyr Ile Arg Pro Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu
 435 440 445
 Arg Ser Lys Asp Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr
 450 455 460
 Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln

465		470		475		480
Asn Ile Thr Gly Ser Phe Asp Leu Ile Ala Thr Pro Lys Arg Glu Thr						
	485			490		495
Ala Ile Lys Asp Asn Gln Asn Tyr Pro Met Glu Val Thr Ile Ala Asn						
	500			505		510
Glu Val Val Lys Lys Asp Phe Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Asp						
	515			520		525
Asn Thr Thr Thr Ala Ala Val Ala Asn Val Asp Asn Val Asn Asn Lys						
	530			535		540
His Asn Glu Val Val Tyr Leu Asn Gln Asn Asn Gln Asn Pro Lys Tyr						
	545			550		555
Ala Lys Tyr Phe Ser Thr Val Lys Asn Gly Glu Phe Ile Pro Gly Glu						
	565			570		575
Val Lys Val Tyr Glu Val Thr Asp Thr Asn Ala Met Val Asp Ser Phe						
	580			585		590
Asn Pro Asp Leu Asn Ser Ser Asn Val Lys Asp Val Thr Ser Gln Phe						
	595			600		605
Ala Pro Lys Val Ser Ala Asp Gly Thr Arg Val Asp Ile Asn Phe Ala						
	610			615		620
Arg Ser Met Ala Asn Gly Lys Lys Tyr Ile Val Thr Gln Ala Val Arg						
	625			630		635
Pro Thr Gly Thr Gly Asn Val Tyr Thr Glu Tyr Trp Leu Thr Arg Asp						
	645			650		655
Gly Thr Thr Asn Thr Asn Asp Phe Tyr Arg Gly Thr Lys Ser Thr Thr						
	660			665		670
Val Thr Tyr Leu Asn Gly Ser Ser Thr Ala Gln Gly Asp Asn Pro Thr						
	675			680		685
Tyr Ser Leu Gly Asp Tyr Val Trp Leu Asp Lys Asn Lys Asn Gly Val						
	690			695		700
Gln Asp Asp Asp Glu Lys Gly Leu Ala Gly Val Tyr Val Thr Leu Lys						
	705			710		715
Asp Ser Asn Asn Arg Glu Leu Gln Arg Val Thr Thr Asp Gln Ser Gly						
	725			730		735
His Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Gln Asn Gly Thr Tyr Thr Val Glu Phe						
	740			745		750
Ala Ile Pro Asp Asn Tyr Thr Pro Ser Pro Ala Asn Asn Ser Thr Asn						
	755			760		765
Asp Ala Ile Asp Ser Asp Gly Glu Arg Asp Gly Thr Arg Lys Val Val						
	770			775		780
Val Ala Lys Gly Thr Ile Asn Asn Ala Asp Asn Met Thr Val Asp Thr						
	785			790		795
						800

Gly Phe Tyr Leu Thr Pro Lys Tyr Asn Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu
 805 810 815
 Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser
 820 825 830
 Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asn Lys Asn Gly Asp Thr Ile Gly Thr
 835 840 845
 Thr Thr Thr Asp Ser Asn Gly Lys Tyr Glu Phe Thr Gly Leu Glu Asn
 850 855 860
 Gly Asp Tyr Thr Ile Glu Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro Thr
 865 870 875 880
 Lys Gln Asn Ser Gly Ser Asp Glu Gly Lys Asp Ser Asn Gly Thr Lys
 885 890 895
 Thr Thr Val Thr Val Lys Asp Ala Asp Asn Lys Thr Ile Asp Ser Gly
 900 905 910
 Phe Tyr Lys Pro Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr
 915 920 925
 Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Ser Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val
 930 935 940
 Lys Val Thr Leu Lys Asp Lys Asn Gly Asn Ala Ile Gly Thr Thr Thr
 945 950 955 960
 Thr Asp Ala Ser Gly His Tyr Gln Phe Lys Gly Leu Glu Asn Gly Ser
 965 970 975
 Tyr Thr Val Glu Phe Glu Thr Pro Ser Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Ala
 980 985 990
 Asn Ser Gly Gln Asp Ile Thr Val Asp Ser Asn Gly Ile Thr Thr Thr
 995 1000 1005
 Gly Ile Ile Asn Gly Ala Asp Asn Leu Thr Ile Asp Ser Gly Phe
 1010 1015 1020
 Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr Ser Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp
 1025 1030 1035
 Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser
 1040 1045 1050
 Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Lys Gly Asn Ile Ile Ser
 1055 1060 1065
 Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu
 1070 1075 1080
 Asp Ser Gly Asn Tyr Ile Ile His Phe Glu Lys Pro Glu Gly Met
 1085 1090 1095
 Thr Gln Thr Thr Ala Asn Ser Gly Asn Asp Asp Glu Lys Asp Ala
 1100 1105 1110
 Asp Gly Glu Asp Val Arg Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe
 1115 1120 1125

. . .

Ser 1130	Ile	Asp	Asn	Gly	Tyr	Phe 1135	Asp	Asp	Asp	Ser	Asp 1140	Ser	Asp	Ser
Asp 1145	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1150	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser 1155	Asp	Ala	Asp
Ser 1160	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser 1165	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp 1170	Ser	Asp	Ser
Asp 1175	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1180	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser 1185	Asp	Ser	Asp
Ser 1190	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser 1195	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp 1200	Ser	Asp	Ser
Asp 1205	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1210	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser 1215	Asp	Ser	Asp
Ser 1220	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser 1225	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1230	Ser	Asp	Ser
Asp 1235	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1240	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser 1245	Asp	Ser	Asp
Ser 1250	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala 1255	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1260	Ala	Asp	Ser
Asp 1265	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1270	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser 1275	Asp	Ser	Asp
Ser 1280	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala 1285	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1290	Ser	Asp	Ser
Asp 1295	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1300	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser 1305	Asp	Ser	Asp
Ser 1310	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser 1315	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1320	Ser	Asp	Ser
Asp 1325	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1330	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser 1335	Asp	Ser	Asp
Ser 1340	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser 1345	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1350	Ser	Asp	Ser
Asp 1355	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1360	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser 1365	Asp	Ala	Asp
Ser 1370	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser 1375	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp 1380	Ser	Asp	Ser
Asp 1385	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1390	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser 1395	Asp	Ser	Asp
Ser 1400	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser 1405	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1410	Ser	Asp	Ser
Asp 1415	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp 1420	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser 1425	Asp	Ala	Asp
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser

1430						1435						1440			
Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	
1445						1450					1455				
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	
1460						1465					1470				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
1475						1480					1485				
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	
1490						1495					1500				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
1505						1510					1515				
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	
1520						1525					1530				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
1535						1540					1545				
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	
1550						1555					1560				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
1565						1570					1575				
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	
1580						1585					1590				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
1595						1600					1605				
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	
1610						1615					1620				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
1625						1630					1635				
Ser	Asp	Ser	Asp	Ala	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	
1640						1645					1650				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	
1655						1660					1665				
Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	
1670						1675					1680				
Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Ser	Asp	Lys	Asn	
1685						1690					1695				
Ala	Lys	Asp	Lys	Leu	Pro	Asp	Thr	Gly	Ala	Asn	Glu	Asp	His	Asp	
1700						1705					1710				
Ser	Lys	Gly	Thr	Leu	Leu	Gly	Thr	Leu	Phe	Ala	Gly	Leu	Gly	Ala	
1715						1720					1725				
Leu	Leu	Leu	Gly	Arg	Arg	Arg	Lys	Lys	Asp	Asn	Lys	Glu	Lys		
1730						1735					1740				

```

<210> 5
<211> 18
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 5

Phe Ile His Lys Leu Phe Gln Ala Arg Ser Ile Trp Pro Gly Leu Lys
1          5          10          15

Ser Tyr

<210> 6
<211> 6
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 6

Ile Glu Arg Arg Lys Arg
1          5

<210> 7
<211> 2976
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(2975)
<223>

<400> 7
at att gca aaa aag act tat ata cta tat tgt att tta ctc tag aaa      47
   Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu      Lys
   1          5          10

cga ttt tta ctt gaa aat tac att gaa ata gtc aaa gat aag gag ttt      95
Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu Phe
15          20          25          30

tta tga tta aaa aaa aat aat tta cta act aaa aag aaa cct ata gca      143
Leu      Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala
      35          40          45

aat aaa tcc aat aaa tat gca att aga aaa ttc aca gta ggt aca gcg      191
Asn Lys Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala
      50          55          60

tct att gta ata ggt gca gca tta ttg ttt ggt tta ggt cat aat gag      239
Ser Ile Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu
      65          70          75

gcc aaa gct gag gag aat aca gta caa gac gtt aaa gat tcg aat atg      287
Ala Lys Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met
      80          85          90

gat gat gaa tta tca gat agc aat gat cag tcc agt aat gaa gaa aag      335
Asp Asp Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys

```

95	100	105	
aat gat gta atc aat aat agt cag tca ata aac acc gat gat gat aac Asn Asp Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn 110 115 120 125			383
caa ata aaa aaa gaa gaa acg aat agc aac gat gcc ata gaa aat cgc Gln Ile Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg 130 135 140			431
tct aaa gat ata aca cag tca aca aca aat gta gat gaa aac gaa gca Ser Lys Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala 145 150 155			479
aca ttt tta caa aag acc cct caa gat aat act cag ctt aaa gaa gaa Thr Phe Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu 160 165 170			527
gtg gta aaa gaa ccc tca tca gtc gaa tcc tca aat tca tca atg gat Val Val Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp 175 180 185			575
act gcc caa caa cca tct cat aca aca ata aat agt gaa gca tct att Thr Ala Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile 190 195 200 205			623
caa aca agt gat aat gaa gaa aat tcc cgc gta tca gat ttt gct aac Gln Thr Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn 210 215 220			671
tct aaa ata ata gag agt aac act gaa tcc aat aaa gaa gag aat act Ser Lys Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr 225 230 235			719
ata gag caa cct aac aaa gta aga gaa gat tca ata aca agt caa ccg Ile Glu Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro 240 245 250			767
tct agc tat aaa aat ata gat gaa aaa att tca aat caa gat gag tta Ser Ser Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu 255 260 265			815
tta aat tta cca ata aat gaa tat gaa aat aag gtt aga ccg tta tct Leu Asn Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser 270 275 280 285			863
aca aca tct gcc caa cca tcg agt aag cgt gta acc gta aat caa tta Thr Thr Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu 290 295 300			911
gcg gca gaa caa ggt tcg aat gtt aat cat tta att aaa gtt act gat Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp 305 310 315			959
caa agt att act gaa gga tat gat gat agt gat ggt att att aaa gca Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala 320 325 330			1007
cat gat gct gaa aac tta atc tat gat gta act ttt gaa gta gat gat His Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp 335 340 345			1055

aag gtg aaa tct ggt gat acg atg aca gtg aat ata gat aag aat aca Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr 350 355 360 365	1103
gtt cca tca gat tta acc gat agt ttt gca ata cca aaa ata aaa gat Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp 370 375 380	1151
aat tct gga gaa atc atc gct aca ggt act tat gac aac aca aat aaa Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys 385 390 395	1199
caa att acc tac act ttt aca gat tat gta gat aaa tat gaa aat att Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile 400 405 410	1247
aaa gcg cac ctt aaa tta aca tca tac att gat aaa tca aag gtt cca Lys Ala His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro 415 420 425	1295
aat aat aac act aag tta gat gta gaa tat aag acg gcc ctt tca tca Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser 430 435 440 445	1343
gta aat aaa aca att acg gtt gaa tat caa aaa cct aac gaa aat cgg Val Asn Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg 450 455 460	1391
act gct aac ctt caa agt atg ttc aca aac ata gat acg aaa aac cat Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His 465 470 475	1439
aca gtt gag caa acg att tat att aac cct ctt cgt tat tca gcc aaa Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys 480 485 490	1487
gaa aca aat gta aat att tca ggg aat ggc gat gaa ggt tca aca att Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile 495 500 505	1535
atc gac gat agt aca atc att aaa gtt tat aag gtt gga gat aat caa Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln 510 515 520 525	1583
aat tta cca gat agt aac aga att tat gat tac agt gaa tat gaa gat Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp 530 535 540	1631
gtc aca aat gat gat tat gcc caa tta gga aat aat aat gac gtg aat Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn 545 550 555	1679
att aat ttt ggt aat ata gat tca cca tat att att aaa gtt att agt Ile Asn Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser 560 565 570	1727
aaa tat gac cct aat aag gac gat tac acg acg ata cag caa act gtg Lys Tyr Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val 575 580 585	1775
aca atg caa acg act ata aat gag tat act ggt gag ttt aga aca gca Thr Met Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala	1823

590	595	600	605	
tcc tat gat aat aca att gct ttc tct aca agt tca ggt caa gga caa				1871
Ser Tyr Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln	610	615	620	
ggt gac ttg cct cct gaa aaa act tat aaa atc gga gat tac gta tgg				1919
Gly Asp Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp	625	630	635	
gaa gat gta gat aaa gat ggt att caa aat aca aat gat aat gaa aaa				1967
Glu Asp Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys	640	645	650	
ccg ctt agt aat gta ttg gta act ttg acg tat cct gat gga act tca				2015
Pro Leu Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser	655	660	665	
aaa tca gtc aga aca gat gaa gag ggg aaa tat caa ttt gat ggg tta				2063
Lys Ser Val Arg Thr Asp Glu Glu Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu	670	675	680	685
aaa aac gga ttg act tat aaa att aca ttc gaa aca ccg gaa gga tat				2111
Lys Asn Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr	690	695	700	
acg ccg acg ctt aaa cat tca gga aca aat cct gca cta gac tca gaa				2159
Thr Pro Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu	705	710	715	
ggc aat tct gta tgg gta act att aac gga caa gac gat atg act att				2207
Gly Asn Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile	720	725	730	
gat agc gga ttt tat caa aca cct aaa tat agc tta ggg aac tat gta				2255
Asp Ser Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val	735	740	745	
tgg tat gac act aat aaa gat ggt att caa ggt gat gat gaa aaa gga				2303
Trp Tyr Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly	750	755	760	765
atc tct gga gta aaa gtg acg tta aaa gat gaa aac gga aat atc att				2351
Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile	770	775	780	
agt aca aca aca act gat gaa aat gga aag tat caa ttt gat aat tta				2399
Ser Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu	785	790	795	
aat agt ggt aat tat att gtt cat ttt gat aaa cct tca ggt atg act				2447
Asn Ser Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr	800	805	810	
caa aca aca aca gat tct ggt gat gat gac gaa cag gat gct gat ggg				2495
Gln Thr Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly	815	820	825	
gaa gaa gtc cat gta aca att act gat cat gat gac ttt agt ata gat				2543
Glu Glu Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp	830	835	840	845

aac gga tac tat gat gac gac tca gat tca gat agt gat tca gac tca 2591
 Asn Gly Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 850 855 860

 gat agc gac gac tca gac tcc gat agc gat tcc gac tca gac agc gac 2639
 Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 865 870 875

 tca gat tcc gat agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gat 2687
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 880 885 890

 agt gat tca gat tca gac agc gat tcc gac tca gac agt gac tca gga 2735
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 895 900 905

 tta gac aat agc tca gat aag aat aca aaa gat aaa tta ccg gat aca 2783
 Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr
 910 915 920 925

 gga gct aat gaa gat cat gat tct aaa ggc aca tta ctt gga gct tta 2831
 Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu
 930 935 940

 ttt gca ggt tta gga gcg tta tta tta ggg aag cgt cgc aaa aat aga 2879
 Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg
 945 950 955

 aaa aat aaa aat taa att att caa atg aaa tta gtg aaa gaa gca gat 2927
 Lys Asn Lys Asn Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp
 960 965 970

 acg aca ttt gaa tag aaa gta tat tta gtc caa caa ata taa ggt gtt g 2976
 Thr Thr Phe Glu Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile Gly Val
 975 980 985

<210> 8
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 8

Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu
 1 5 10

<210> 9
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 9

Lys Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu
 1 5 10 15

Phe Leu

```

<210> 10
<211> 930
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 10

Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala Asn Lys
1 5 10 15

Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile
20 25 30

Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu Ala Lys
35 40 45

Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met Asp Asp
50 55 60

Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys Asn Asp
65 70 75 80

Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn Gln Ile
85 90 95

Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg Ser Lys
100 105 110

Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala Thr Phe
115 120 125

Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu Val Val
130 135 140

Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp Thr Ala
145 150 155 160

Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile Gln Thr
165 170 175

Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn Ser Lys
180 185 190

Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr Ile Glu
195 200 205

Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro Ser Ser
210 215 220

```

Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu Leu Asn
 225 230 235 240
 Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser Thr Thr
 245 250 255
 Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala
 260 265 270
 Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser
 275 280 285
 Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala His Asp
 290 295 300
 Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp Lys Val
 305 310 315 320
 Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro
 325 330 335
 Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser
 340 345 350
 Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys Gln Ile
 355 360 365
 Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala
 370 375 380
 His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn
 385 390 395 400
 Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn
 405 410 415
 Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala
 420 425 430
 Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val
 435 440 445
 Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr
 450 455 460
 Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp

465					470					475					480
Asp	Ser	Thr	Ile	Ile	Lys	Val	Tyr	Lys	Val	Gly	Asp	Asn	Gln	Asn	Leu
				485					490					495	
Pro	Asp	Ser	Asn	Arg	Ile	Tyr	Asp	Tyr	Ser	Glu	Tyr	Glu	Asp	Val	Thr
			500					505					510		
Asn	Asp	Asp	Tyr	Ala	Gln	Leu	Gly	Asn	Asn	Asn	Asp	Val	Asn	Ile	Asn
		515					520					525			
Phe	Gly	Asn	Ile	Asp	Ser	Pro	Tyr	Ile	Ile	Lys	Val	Ile	Ser	Lys	Tyr
	530					535					540				
Asp	Pro	Asn	Lys	Asp	Asp	Tyr	Thr	Thr	Ile	Gln	Gln	Thr	Val	Thr	Met
545					550					555					560
Gln	Thr	Thr	Ile	Asn	Glu	Tyr	Thr	Gly	Glu	Phe	Arg	Thr	Ala	Ser	Tyr
				565					570						575
Asp	Asn	Thr	Ile	Ala	Phe	Ser	Thr	Ser	Ser	Gly	Gln	Gly	Gln	Gly	Asp
			580					585					590		
Leu	Pro	Pro	Glu	Lys	Thr	Tyr	Lys	Ile	Gly	Asp	Tyr	Val	Trp	Glu	Asp
		595					600					605			
Val	Asp	Lys	Asp	Gly	Ile	Gln	Asn	Thr	Asn	Asp	Asn	Glu	Lys	Pro	Leu
	610					615					620				
Ser	Asn	Val	Leu	Val	Thr	Leu	Thr	Tyr	Pro	Asp	Gly	Thr	Ser	Lys	Ser
625					630					635					640
Val	Arg	Thr	Asp	Glu	Glu	Gly	Lys	Tyr	Gln	Phe	Asp	Gly	Leu	Lys	Asn
				645					650					655	
Gly	Leu	Thr	Tyr	Lys	Ile	Thr	Phe	Glu	Thr	Pro	Glu	Gly	Tyr	Thr	Pro
			660					665					670		
Thr	Leu	Lys	His	Ser	Gly	Thr	Asn	Pro	Ala	Leu	Asp	Ser	Glu	Gly	Asn
		675					680					685			
Ser	Val	Trp	Val	Thr	Ile	Asn	Gly	Gln	Asp	Asp	Met	Thr	Ile	Asp	Ser
	690					695					700				
Gly	Phe	Tyr	Gln	Thr	Pro	Lys	Tyr	Ser	Leu	Gly	Asn	Tyr	Val	Trp	Tyr
705					710					715					720

```

      . .
Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly Ile Ser
      725                      730                      735

Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile Ser Thr
      740                      745                      750

Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Asn Ser
      755                      760                      765

Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr Gln Thr
      770                      775                      780

Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly Glu Glu
      785                      790                      795                      800

Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp Asn Gly
      805                      810                      815

Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
      820                      825                      830

Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
      835                      840                      845

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
      850                      855                      860

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp
      865                      870                      875                      880

Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala
      885                      890                      895

Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala
      900                      905                      910

Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn
      915                      920                      925

Lys Asn
      930

```

```

<210> 11
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

. .
<400> 11

Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp Thr Thr Phe Glu
1 5 10 15

<210> 12
<211> 8
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 12

Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile
1 5

<210> 13
<211> 1464
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1464)
<223>

<400> 13
atg aaa aag ttt aac att aaa cat tca ttt atg ctt acg ggc ttt gct 48
Met Lys Lys Phe Asn Ile Lys His Ser Phe Met Leu Thr Gly Phe Ala
1 5 10 15

ttc atg gta act aca tca tta ttc agt cac caa gca cat gct gaa ggt 96
Phe Met Val Thr Ser Leu Phe Ser His Gln Ala His Ala Glu Gly
20 25 30

aat cat cct att gac att aat ttt tct aaa gat caa att gat aga aat 144
Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
35 40 45

aca gct aag agc aat att atc aat cga gtg aat gac act agt cgc aca 192
Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
50 55 60

gga att agt atg aat tcg gat aat gat tta gat aca gat atc gtt tca 240
Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
65 70 75 80

aat agt gac tca gaa aat gac aca tat tta gat agt gat tca gat tca 288
Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
85 90 95

gac agt gac tca gat tca gat agt gac tca gat tca gat agt gac tca 336
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
100 105 110

gat tca gat agt gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt 384
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
115 120 125

gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt gat tca gat tca 432
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

130	135	140	
gac agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 145 150 155 160			480
gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 165 170 175			528
gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca gat tca Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 180 185 190			576
gat agt gat tca gac tca gat agt gac tca gat tca gat agt gat tca Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 195 200 205			624
gac tct ggt aca agt tca ggt aag ggt tca cat acc gga aaa aaa cct Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro 210 215 220			672
ggt aac cct aaa gga aat aca aat aga cct tct caa aga cat acg aat Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn 225 230 235 240			720
caa ccc caa agg cct aaa tac aat caa aca aat caa aac aat ata aac Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn 245 250 255			768
aat ata aac cat aat att aat cat aca cgt act agt gga gat ggt gcg Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala 260 265 270			816
cct ttt aaa cgt caa caa aat att att aat tct aat tca ggt cat aga Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg 275 280 285			864
aat caa aat aat ata aat caa ttt ata tgg aac aaa aat ggc ttt ttt Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe 290 295 300			912
aaa tct caa aat aat acc gaa cat aga atg aat agt agc gat aat acc Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr 305 310 315 320			960
aat tca tta att agc aga ttc aga caa tta gcc acg ggt gct tat aag Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys 325 330 335			1008
tac aat ccg ttt ttg att aat caa gta aaa aat ttg aat caa tta gat Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp 340 345 350			1056
gga aag gtg aca gat agt gac att tat agc ttg ttt aga aag caa tca Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser 355 360 365			1104
ttt aga gga aat gaa tat tta aat tca tta caa aaa ggg aca agc tat Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr 370 375 380			1152

```

ttc aga ttt caa tat ttt aat cca ctt aat tct agt aaa tac tat gaa      1200
Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
385                               390                               395                               400

aat tta gat gat cag gtt tta gct tta att aca gga gaa atc ggc tca      1248
Asn Leu Asp Asp Gln Val Leu Ala Leu Ile Thr Gly Glu Ile Gly Ser
405                               410                               415

atg cca gaa ctt aaa aaa cct acg gat aaa gaa gat aaa aat cat agc      1296
Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
420                               425                               430

gcc ttc aaa aac cat agt gca gat gag ata aca aca aat aat gat gga      1344
Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr Thr Asn Asn Asp Gly
435                               440                               445

cac tcc aaa gat tat gat aag aaa aag aaa ata cat cga agt ctt tta      1392
His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
450                               455                               460

tcg tta agt att gca ata att gga att ttt cta gga gtc act gga cta      1440
Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu Gly Val Thr Gly Leu
465                               470                               475                               480

tat atc ttt aga aga aaa aag taa
Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
485

```

```

<210> 14
<211> 487
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```

<400> 14

```

```

Met Lys Lys Phe Asn Ile Lys His Ser Phe Met Leu Thr Gly Phe Ala
1                               5                               10                               15

Phe Met Val Thr Thr Ser Leu Phe Ser His Gln Ala His Ala Glu Gly
20                               25                               30

Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
35                               40                               45

Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
50                               55                               60

Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
65                               70                               75                               80

Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
85                               90                               95

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
100                               105                               110

```

```

    .      .
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    115                      120                      125

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    130                      135                      140

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    145                      150                      155                      160

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    165                      170                      175

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    180                      185                      190

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    195                      200                      205

Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro
    210                      215                      220

Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn
    225                      230                      235                      240

Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn
    245                      250                      255

Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala
    260                      265                      270

Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg
    275                      280                      285

Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe
    290                      295                      300

Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr
    305                      310                      315                      320

Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys
    325                      330                      335

Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp
    340                      345                      350

```

Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser
 355 360 365
 Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr
 370 375 380
 Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
 385 390 395 400
 Asn Leu Asp Asp Gln Val Leu Ala Leu Ile Thr Gly Glu Ile Gly Ser
 405 410 415
 Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
 420 425 430
 Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr Thr Asn Asn Asp Gly
 435 440 445
 His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
 450 455 460
 Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu Gly Val Thr Gly Leu
 465 470 475 480
 Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
 485

<210> 15
 <211> 18
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (12)..(12)
 <223> n=(a or c or t or g)

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (6)..(6)
 <223> n=(a or c or t or g)

<400> 15
 gaytcngayt cngayagy

18

<210> 16
 <211> 9
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 16

```

    .
    .
Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp
1          5

<210> 17
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (3)..(3)
<223> Xaa can be any amino acid

<400> 17

Leu Pro Xaa Thr Gly
1          5

<210> 18
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 18

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn
1          5          10          15

Ala Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
          20          25          30

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
          35          40          45

Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys
          50          55          60

<210> 19
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 19

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn
1          5          10          15

Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
          20          25          30

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
          35          40          45

```

```

Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn Lys Asn
 50          55          60

<210> 20
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 20

Asp Lys Asn His Ser Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr
1          5          10          15

Thr Asn Asn Asp Gly His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile
      20          25          30

His Arg Ser Leu Leu Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu
      35          40          45

Gly Val Thr Gly Leu Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
 50          55          60

<210> 21
<211> 18
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 21
gatgatgaat tatcagac                                     18

<210> 22
<211> 19
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 22
caggaggcaa gtcaccttg                                     19

<210> 23
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 23
gccggatccc caattccaga ggattca                             27

<210> 24
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 24

```

```

. . .
gccaagctta ttgttagaac ctgactc 27

<210> 25
<211> 17
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 25
gattcagata gccattc 17

<210> 26
<211> 17
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 26
ctgagtcact gtctgag 17

<210> 27
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 27
cccggatccg ctgaagacaa tcaattag 28

<210> 28
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 28
cccaagctta attatcccc tgtgctg 27

<210> 29
<211> 31
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 29
cccggatccg aggagaatac agtacaagac g 31

<210> 30
<211> 33
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 30
cccgggtacct agtttttcag gaggcaagtc acc 33

<210> 31
<211> 30
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 31
cccggatccg aaggtaatca tcctattgac 30

```

```

. .
<210> 32
<211> 37
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 32
cccaagctta cttttttctt ctaaagatat atagtcc 37

<210> 33
<211> 30
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 33
cccgaattca attatcccc tgtgctgttg 30

<210> 34
<211> 33
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 34
cccgaattct agtttttcag gaggcaagtc acc 33

<210> 35
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 35
ggcggatccg aaggtaatca tcctattg 28

<210> 36
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 36
ggcaagcttc taaatatgtg tcattttc 28

<210> 37
<211> 4
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 37

Gly Gly Ala Gly
1

<210> 38
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 38

Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr
1 5 10

```



```

<210> 39
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus aureus

<400> 39

Leu Pro Asp Thr Gly
1          5

```